

# Rapport d'activités 2000



# *Le Cirad* au Brésil



## 1.6 Exploration du génome de la canne à sucre par séquençage d'EST

**Accord cadre Fapesp / Cirad, convention Unicamp / Cirad 2000-2002**

Laurent Grivet (Cirad-Ca cas) avec l'appui d'Angélique D'Hont (Cirad-Ca cas) et Jean-Christophe Glaszmann (Cirad-Amis biotrop)

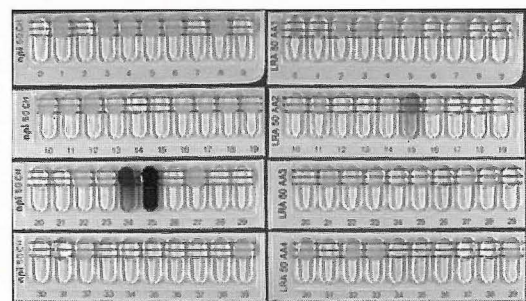
Paulo Arruda (Unicamp-Cbmeg)

Le projet Sucest (Brazilian Sugarcane EST Project) vise à séquencer partiellement un très grand nombre de gènes de la canne à sucre. Il s'agit du plus gros projet de ce type jamais opéré sur une espèce végétale. Il est en grande partie financé par la Fapesp (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo) et est coordonné par Paulo Arruda, directeur du Laboratoire Physiologie moléculaire des plantes du Cbmeg (Centro de biologia molecular e engenharia genética), à l'Unicamp (Universidade nacional de Campinas, état de São Paulo).

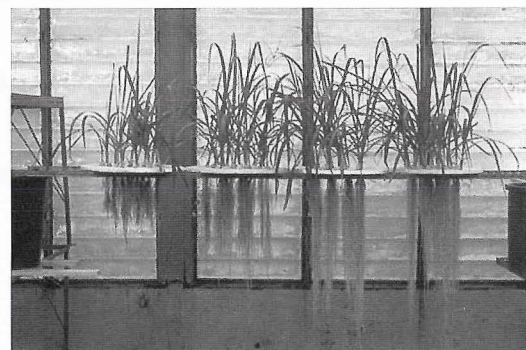
La production de séquences du projet a été réalisée par un réseau de laboratoires publics de l'état de São Paulo (réseau Onsa, pour Organisation for Nucleotide Sequencing and Analysis). Cette phase est maintenant achevée et a permis d'obtenir 250 000 EST (Expressed Sequence Tag), soit environ trois fois plus que les projets du même type réalisés sur des plantes modèles comme le riz ou *Arabidopsis*. La base de donnée constituée par les séquences du projet Sucest est unique et potentiellement très riche en information. Plus de 40 équipes de différentes universités et instituts de recherche de l'état de São Paulo travaillent sur son exploitation, activité habituellement qualifiée par le terme anglophone de "data mining".

Dans ce contexte, Laurent Grivet est chargé au sein du laboratoire du Cbmeg d'étudier un aspect particulier des données Sucest : le polymorphisme de séquence. La canne étant polyploïde et fortement hétérozygote, et le volume de séquences étant considérable, il y a tout lieu de penser que des séquences d'allèles différents vont être obtenues pour de nombreux gènes. Il faut donc vérifier cette hypothèse, et si c'est le cas, proposer une méthode de recherche systématique des sites polymorphes dans la base de données. A terme, cette information de polymorphisme pourrait s'avérer capitale pour mettre en place de nouveaux outils de génotypage à haut débit qui pourraient avoir un impact important sur les méthodes de création variétale chez la canne à sucre.

A ce stade préliminaire il s'agit de montrer que la base de données Sucest est un outil intéressant pour détecter le polymorphisme de séquence chez la canne à sucre. Pour commencer, une étude détaillée a été réalisée au sein de deux petites familles multigéniques, les 6-phosphogluconate deshydrogénases et les alcool deshydrogénases. Ces deux familles de gènes ont été choisies en raison du grand nombre de séquences disponibles dans la base de données et en raison des



© D. Pouzet



© P. Feldmann

Canne à sucre en hydroponie

bonnes connaissances qui existent sur leur déterminisme génétique chez les graminées diploïdes apparentées à la canne à sucre, comme le maïs, le sorgho et le riz même si elles ne sont en principe pas impliquées dans le déterminisme de caractères importants pour l'amélioration variétale. Il ressort des premières analyses que, d'une part, il y a un polymorphisme de séquence important dans le germoplasme élite de la canne à sucre et que, d'autre part, la base de données Sucest devrait être un outil efficace pour le détecter.

Dans les prochains mois, les analyses réalisées sur les deux familles multigéniques vont être poursuivies sur de nombreux autres gènes de façon à pouvoir produire des conclusions de portée plus générale. Le problème réside dans le choix des gènes car il est absolument nécessaire que le nombre de copies dans le génome puisse être établi avec une grande précision. Parmi les différentes stratégies envisageables, la plus prometteuse consiste à étudier le polymorphisme de gènes déjà cartographiés sur le génome de la canne ou mieux, sur le génome du sorgho, une espèce diploïde apparentée dont le génome a une organisation très semblable à celui de la canne. A ce titre, les cartes génétiques produites par les équipes du Cirad sur ces deux espèces devraient s'avérer très utiles.



© P. Feldmann

Champ de canne à sucre en fleur